



[SEQ ID NO:2]

1 MLNLENKTYV IMGIANKRSI AFGVAKVLDQ LGAKLVFTYR KERSRKELEK
51 LLEQLNQPEA HLYQIDVQSD EEVINGFEQI GKDVGNIDGV YHSIAFANME
101 DLRGRFSETS REGFLLAQDI SSYSLTIVAH EAKKLMEGG SIVATTYLG
151 EFAVQYNVNM GVAKASLEAN VKYLALDLGP DNIRVNAISA GPRTLSAKG
201 VGGFNTILKE IEERAPLKRN VDQVEVGKTA AYLLSDLSSG VTGENIHVDS
251 GFHAIK

FIG. 1



[SEQ ID NO:1]

1 ATGTTAAATC TTGAAAACAA AACATATGTC ATCATGGGAA TCGCTAATAA
51 GCGTAGTATT GCTTTTGGTG TCGCTAAAGT TTTAGATCAA TTAGGTGCTA
101 AATTAGTATT TACTTACCGT AAAGAACGTA GCCGTAAAGA GCTTGAAAAA
151 TTATTAGAAC AATTAAATCA ACCAGAAAGCG CACTTATATC AAATTGATGT
201 TCAAAGCGAT GAAGAGGTTA TTAATGGTTT TGAGCAAATT GGTAAAGATG
251 TTGGCAATAT TGATGGTGTA TATCATTTCA TCGCATTTGC TAATATGGAA
301 GACTTACGCG GACGCTTTTC TGAAACTTCA CGTGAAGGCT TCTTGTTAGC
351 TCAAGACATT AGTTCTTACT CATTAACAAT TGTGGCTCAT GAAGCTAAAA
401 AATTAAATGCC AGAAGGTGGT AGCATTTGTTG CAACAACATA TTTAGGTGGC
451 GAATTCGCAG TTCAAAAATTA TAATGTGATG GGTGTTGCTA AAGCGAGCTT
501 AGAAGCAAAT GTTAAATATT TAGCATTAGA CTTAGGTCCT GATAATATTC

FIG. 2



551 GCGTTAATGC AATTTCAGCT GGTCCAATCC GTACATTAAG TGCAAAAGGT
601 GTGGGTGGTT TCAATACAAT TCTTAAAGAA ATCGAAGAGC GTGCACCTTT
651 AAAACGTAAC GTTGATCAAG TAGAAGTAGG TAAAACAGCG GCTTACTTRT
701 TAAGTGA CTT ATCAAGTGGC GTTACAGGTG AAAATATTCA TGTAGATAGC
751 GGATTCCACG CAATTAAATA A

FIG. 2A